

1/3

[SEQ ID NO:2]

1 MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK
51 LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME
101 DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMPEGG SIVATTYLG
151 EFAVQNYNVM GVAKASLEAN VKYLALDLGP DNIRVNAISA GPRTLAKG
201 VGGFNTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS
251 GFHAIK

FIG. 1

Sequence alignment

[SEQ ID NO:1]

1 ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA
51 GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA
101 AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA
151 TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT
201 TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAATT GGTAAAGATG
251 TTGGCAATAT TGATGGTGTA TATCATTCAA TCGCATTTCG TAATATGGAA
301 GACTTACGCG GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCTTGTTAGC
351 TCAAGACATT AGTTCCTTACT CATTAAACAAT TGTGGCTCAT GAAGCTAAAA
401 AATTAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC
451 GAATTCGCAG TTCAAAATTA TAATGTGATG GGTGTTGCTA AAGCGAGCTT
501 AGAAGCAAAT GTTAAATATT TAGCATTAGA CTTAGGTCCT GATAATATTC

FIG. 2

3/3

551 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAG TGCAAAAAGGT
601 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCTTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT
651 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAAACAGCG GCTTACTTTRT
701 TAAGTGACTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC
751 GGATTCCACG CAATTAAATA A

090924.1 - 04.15.99